

Fig.1

```
1 .....IHPISAESLHSHLQQLINDKPQ 22
      :||:..|| : ||..|| .
451 PDLNIPHPRLERTFVLEPLCELISPVHLHPVTAEPVDHLKQLYDKQHD 500

23 ETV.....QESSDLLQFIPVSRLPVKDNILKFDQINHKSPTLIMGIL 64
      |         | .|:         | || || |
501 EDTLWKLVPLPYRSGVEPRFLKFKTATKLDEFTGETNRITVSPITYIMAIF 550

65 NMTPDSFSDGGKHFG...KELDNIVKQA.EKLVSEGATIIDIGGVSTRPG 110
      | ||||| ||..|| :|..|:| : | . |||:| |||
551 NATPDSFSDGGEHFADIESQLNDIIKLCKDALYLHESVIIDVGGCSTRPN 600

111 SVEPTEEEEELERVIPLIRAIQS..... 133
      |:: .|||: | |||:| ||:|
601 SIQASEEEEIRRSIPLIKAIRESTELPQDKVILSIDTYRSNVAKEAIKVG 650
```

```

251 NDLNEVLDDQCTKIAEKRLQLDQIDQERQGNFNNVESHSNSPALLPLPKA 300
      :..
      1 .....KSIQL 5
301 GQNGNLMRRDRSSVLILEKFWDTELDQLFKNVEGAQKFINSTKGRHILMN 350
      |   |   ::|||::|. | ||.: | ||.|:| | |
      6 GIPSN.KKKDRSSIMVLKKMWDSQLQSLFKHVGDGASKFVQPLPNRHIVAE 54
351 SANWMELENTTTGKPLQMVFIFILNDLVLIADK...SRDKQNDFIVSQCYP 397
      | | |. |   ||   :|| |||:||| |   |   : |
      55 SGRWFEEVNVGNWKPSYPTHLFIFNDLILIAVKKSSSSSQEPTTGGSSNGGS 104
398 LKDVTVTQEESTKRLLFKFSNSNSSLYECRDADECSRLLDVI..RKAKD 445
      |   |   . |   . |   . |   . |   . |   . |
      105 KSRLQAVQCWPLTQVSLQQIKSPKKDDDKMYFINLKSKSLSYVYLTDTRYD 154
446 DLCDIFHVEEENSKRIRESFRYLQSTQQTGRENNRSPNKJK..RRSMGG 493
      :   :   : | | | |   . |   |   |   :   | |
      155 HFVKVTEAFNKGKNEMIQSERLLDSRLSSPSNNNGDSKEEKROLRESLRN 204
494 SITPGRNVTGAMDQYLLQNLTLMSHSRPRSRDMSSTAQRCLKFLDEGVVEI 543
      |   |   |   . |
      205 SGNYKEGVTTDDAGGAATG*VT..... 225

```

301 ACCCATTGCTGAAATGTTGGACTTGAAGATTGCTTTAGAAAAGAGGAGTTGGTGAATGGTT  
0 -----  
361 TCGTAAAAAATAGAGATACCAAACCAGTTCCCGGTGATTACACACAATTGAGAACATTTTT  
0 -----  
421 CGATAAATTATTGATCGATGAAGATACTTGGCCAAGAGATAACTTAAATGTTATACCTAA  
0 -----  
481 TATTGAAGGAGAAGATTATGATGAAATCTACGATCGTGCCAAATTGTTTTGGAAAAAGTT  
0 -----TTAAATATGTGTTGATAGTTACACATGC  
541 TATTCCTGAATTTGAAAAGAAATTCCCCGAAATTAAAAATGTGTTGATAGTTACACATGC  
29 AGCAACGAAAATTGCTTTAGGATCAGCTTTATTACAGTTAAAATCAGTTACTGATGTTAT  
601 AGCAACGAAAATTGCTTTAGGATCAGCTTTATTACAGTTAAAATCAGTTACTGATGTTAT  
89 AGATGATAATCAAACGTGTGTTACGTGCTGGTGCATGTTCAATTATCCAAATTTGTTAGAGA  
661 AGATGATAATCAAACGTGTGTTACGTGCTGGTGCATGTTCAATTATCCAAATTTGTTAGAGA  
149 TGGCGAAGATAAAACCAATCATACTATTCAATGGAAAATTGTCATGAATGGTAATTGTGA  
721 TGGCGAAGATAAAACCAATGATACTATTCAATGGAAAATTGTCATGAATGGTAATTGTGA  
209 ATTCTTGACACAGGGTGAAGAAATGAAT-----  
781 ATTCTTGACACAGGGTGAAGAAATGAACTGGGATTTCCGTCGTGGTGTGTAAGCCGGGTC

FIG. 4

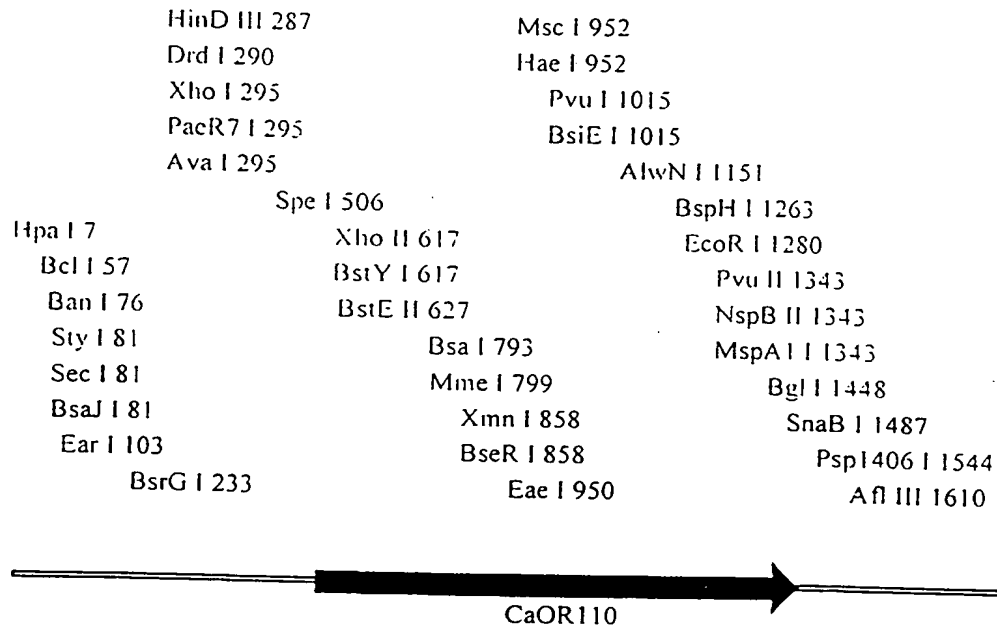
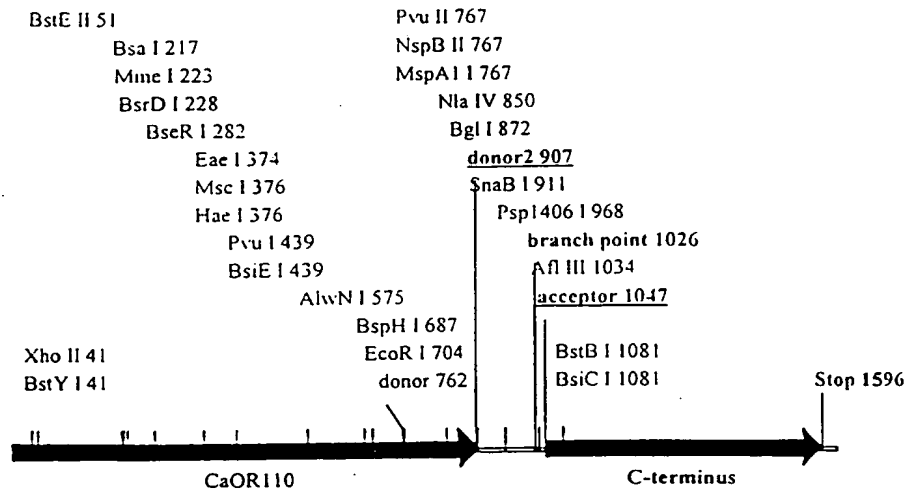


FIG. 5



1	ATGACGATTGAAACTATTTATATCGCAAGACACGGTTATAGATCCAATTGGTTACCACCA	60
1	ATGACGATTGAAACTATTTATATCGCAAGACACGGTTATAGATCCAATTGGTTACCACCA	60
61	CCACACCCACCAAATCCTACTGGTATTGACAGTGACCCGGCTTTAGCACCACATGGTGTT	120
61	CCACACCCACCAAATCCTACTGGTATTGACAGTGACCCGGCTTTAGCACCACATGGTGTT	120
121	GAACAAGCCCAACAGTTAGCTGCCTATCTTACATCATTACCTACACATGAAAAGCCTGAA	180
121	GAACAAGCCCAACAGTTAGCTGCCTATCTTACATCATTACCTACACATGAAAAGCCTGAA	180
181	TTTATTATTGCTTCACCTTTTTTATCGTTGTATAGAAACGTCGAGACCCATTGCCGAAATG	240
181	TTTATTATTGCTTCACCTTTTTTATCGTTGTATAGAAACGTCGAGACCCATTGCCGAAATG	240
241	TTGGACTTGAAGATTGCTTTAGAAAGAGGAGTTGGTGAATGGTTTCGTAAAAATAGAGAT	300
241	TTGGACTTGAAGATTGCTTTAGAAAGAGGAGTTGGTGAATGGTTTCGTAAAAATAGAGAT	300
301	ACCAAACCAGTTCCCGGTGATTACACACAATTGAGAACATTTTTCGATAAATTATTGATC	360
301	ACCAAACCAGTTCCCGGTGATTACACACAATTGAGAACATTTTTCGATAAATTATTGATC	360
361	GATGAAGATACTTGGCCAAGAGATAACTTAAATGTTATACCTAATATTGAAGGAGAAGAT	420
361	GATGAAGATACTTGGCCAAGAGATAACTTAAATGTTATACCTAATATTGAAGGAGAAGAT	420
421	TATGATGAAATCTACGATCGTGCCAAATTGTTTTGGAAAAAGTTTATTCCTGAATTTGAA	480
421	TATGATGAAATCTACGATCGTGCCAAATTGTTTTGGAAAAAGTTTATTCCTGAATTTGAA	480
481	AAGAAATTCCCCGAAATTAAAAATGTGTTGATAGTTACACATGCAGCAACGAAAATTGCT	540
481	AAGAAATTCCCCGAAATTAAAAATGTGTTGATAGTTACACATGCAGCAACGAAAATTGCT	540
541	TTAGGATCAGCTTTATTACAGTTAAATCAGTTACTGATGTTATAGATGATAATCAAAC	600
541	TTAGGATCAGCTTTATTACAGTTAAATCAGTTACTGATGTTATAGATGATAATCAAAC	600
601	GTGTTACGTGCTGGTGCATGTTTCATTATCCAAATTTGTTAGAGATGGCGAAGATAAAACC	660
601	GTGTTACGTGCTGGTGCATGTTTCATTATCCAAATTTGTTAGAGATGGCGAAGATAAAACC	660
661	AATCATACTATTCAATGGAAAAATTGTCATGAATGGTAATTGTGAATTCTTGACACAGGGT	720



8 / 8

1441 ACACAAAATTCACATTAAAAAAGGCAGAAGAAGTAGAACAACTTCGTTTCAGCAGATGATT 1500

1301 ACACAAAATTCACATTAAAAAAGGCAGAAGAAGTAGAACAACTTCGTTTCAGCAGATGATT 1360

1501 CTATCATGGATATAGATCAAGACTCACAAAGGACAACAACCAGCTAGAAGTCAGTTCTTAA 1560

1361 CTATCATGGATATAGATCAAGACTCACAAAGGACAACAACCAGCTAGAAGTCAGTTCTTAA 1420

1561 AAAGAGCAATTGTGGCTGCTAGAGCCAAAGGTAAATAAATGCTATTTGTTATTATTATA 1620

1421 AAAGAGCAATTGTGGCTGCTAGAGCCAAAGGTAA----- 1454

-----



WO 00/15838

PCT/EP99/07376

9 / 9

FIG. 7

